Respuesta a: «Una datación del Holoceno medio para Monte Verde cuestiona la cronología de la colonización humana de Sudamérica»

David J. Meltzer 1,2, J. Víctor Moreno-Mayar 2, Thomaz Pinotti 2, Peter D. Heintzman 3,4, Mikkel Winther Pedersen 2 y Eske Willerslev 2,5

1 Departamento de Antropología, Universidad Metodista del Sur, Dallas, TX 75275, EE. UU.

2 Centro de Geogenética, Instituto Globe, Universidad de Copenhague, Copenhague, DINAMARCA

3 Centro de Paleogenética, Estocolmo, SUECIA

4 Departamento de Ciencias Geológicas, Universidad de Estocolmo, Estocolmo, SUECIA

5 Departamento de Genética, Universidad de Cambridge, Cambridge, Reino Unido

Surovell et al. (2026) afirman que el sitio de Monte Verde (Chile) tiene solo 8.200 años, mucho menos que su edad previamente establecida de 14.500 años antes del presente (BP) (Dillehay 1989, 1997). De ser correcto, esto eliminaría a Monte Verde como uno de los yacimientos de la época pre-Clovis en América. Sin embargo, su afirmación carece de fundamento en sus propias evidencias y no se basan en datos que las contradigan. Esto, a su vez, socava las inferencias más amplias que extraen de su estudio. Proporcionamos ejemplos de cada una de ellas.

Un pilar clave de su argumento es que un depósito de tefra de 11.000 años de antigüedad se encuentra "debajo y es más antiguo que el componente MVII [~14 500 BP]". Sin embargo, de las nueve secciones de talud a lo largo del arroyo Chinchihuapi que examinaron, la tefra estaba presente solo en cuatro secciones. Dos de ellas están a 900 m y 4 km del sitio (SI p. 6) y, por lo tanto, no son relevantes; que la tefra se depositó en una amplia zona del noroeste de la Patagonia no está en cuestionamiento. En las dos secciones más cercanas al yacimiento, pero aún a unos 50 m y 100 m de distancia, la tefra aparece sobre sedimentos datados en 10.000 años AP (Surovell et al., 2026, Figs. S9 y S11), lo que invalida su utilidad como capa marcadora cronológica a nivel local. Lo más importante es que, dado que Surovell et al. (2026) no tomaron muestras en el yacimiento de Monte Verde, su afirmación y su Figura 2a, que muestra una capa de tefra debajo del componente MVII, en el mejor de los casos resulta engañosa. Tampoco se observó la existencia de tal tefra durante las investigaciones originales (Pino, 1989; Pino y Dillehay 2023).

Si el arroyo Chinchihuapi fue tan activo en la redeposición de material como sugieren Surovell et al., es difícil explicar por qué ninguna de sus secciones de talud presentaba evidencia —como si ocurrió en el sitio— de huesos, colmillos y pieles de proboscídeos; restos de braceros de hogares, estructuras de madera, una formación de arena y grava posiblemente endurecida por grasa animal y revestida con tocones de madera verticales, un conjunto inesperadamente diverso de restos vegetales, etc. (detallado en Dillehay 1989, 1997). El argumento de Surovell et al. se habría fortalecido si hubieran intentado explicar la ausencia de dicho material en sus secciones o si hubieran dado razones convincentes para rechazar los artefactos y estructuras orgánicas del sitio, datados directamente en ~14.500 años AP (Dillehay 1997). Sin embargo, apenas reconocieron y mucho menos confrontaron dicha evidencia. Cuando se le preguntó sobre los artefactos de madera,

hueso y colmillos datados directamente, Surovell afirmó, sin pruebas, que ninguno era de origen humano (Wade 2026). Hasta que no pueda demostrarlo, su afirmación no tiene fundamento.

Partiendo de esa base problemática, Surovell et al. (2026) formulan varias afirmaciones más generales sobre el poblamiento de América y nuestra comprensión de dicho proceso. Por ejemplo, afirman que «la edad del componente MV-II no debería utilizarse como restricción ni como verificación de los modelos de colonización derivados de otras fuentes, incluyendo la genética de poblaciones modernas o antiguas». Sugerir que se ha utilizado de esta manera es incorrecto. Las inferencias sobre el poblamiento de América basadas en la genética se derivan de una base empírica completamente independiente, con sus propios datos, supuestos, pruebas de consistencia y advertencias explícitas.

Es importante destacar que su conclusión de que "una edad del Holoceno para Monte Verde deja abierta la posibilidad de una colonización inicial posterior" no considera múltiples líneas de evidencia genética —uniparental y genómica— de individuos actuales y antiguos que apoyan de forma independiente una ocupación pre-Clovis de América. Ya en 1993, y de forma totalmente independiente de Monte Verde, las estimaciones basadas en ADN mitocondrial (ADNmt) situaron el poblamiento inicial entre 21.000 y 14.000 años atrás (Horai et al. 1993; también Merriwether et al. 1995, Bonatto y Salzano, 1997). De hecho, el único estudio temprano que hizo referencia a Monte Verde (Forster et al. 1996) sugería que la genética podría servir para verificar la arqueología y no al revés.

Análisis más recientes, que utilizan marcadores un solo locus y conjuntos de datos mucho mayores, perfeccionan aún más este panorama. Los genomas mitocondriales completos sugieren una divergencia de los ancestros nativos americanos de otras poblaciones de Asia hace no más de 24.900 años, la formación de los linajes fundadores nativos americanos hace 18.400 años, seguida de una importante expansión poblacional que comenzó hace no más de 16.000 años (Llamas et al. 2016). El ADN del cromosoma Y indica una divergencia hace unos 18.900 años (IC del 95%: 16 700 – 21 400 años) y una expansión hace unos 15.000 años (IC del 95%: 13 200 – 16 900 años) (Pinotti et al. 2019).

Asimismo, los datos genómicos indican que todos los individuos nativos americanos secuenciados hasta la fecha, tanto antiguos como actuales, remontan su ascendencia genómica a tres linajes con profundas divergencias. Los antiguos beringianos se separaron de otros nativos americanos hace aproximadamente 20.900 años (IC del 95%: 18 100 – 22 000 años), seguidos de una división entre los nativos americanos del norte (NNA) y los nativos americanos del sur (SNA), hace aproximadamente 15.700 años (IC del 95%: 14 600 – 17 500 años). Es importante destacar que un modelado demográfico detallado infirió que la primera división fue seguida por un flujo genético continuo, mientras que la segunda no (Moreno-Mayar et al., 2018a). Estos resultados indican que los antiguos beringianos y los ancestros de los nativos americanos ya estaban aislados entre sí cuando las poblaciones NNA y SNA se separaron hace aproximadamente 15.700 años.

Los casquetes polares Laurentino y Cordillerano probablemente actuaron como mecanismo de aislamiento, lo que dificultó la migración continua entre el este de Beringia (Alaska y el Yukón) y el resto de América (véase más adelante), lo que respalda la presencia humana en latitudes medias de Norteamérica hace al menos 14.600 años. En consonancia con estas inferencias, no se han identificado individuos del SNA, ni antiguos ni actuales, al norte de los casquetes polares continentales, ni en el este de Beringia ni en Siberia. Por el contrario, individuos de Norteamérica y

Sudamérica asociados a culturas materiales dispares, como la tradición Clovis y la de puntas de pedúnculo occidentales, o a supuestos grupos anatómicamente distintos («paleoamericanos»), atribuidos previamente a migraciones separadas, forman parte del mismo linaje SNA (Moreno-Mayar et al., 2018b; Raghavan et al., 2015; Posth et al., 2018; Rasmussen et al., 2014).

La ubicación donde los ancestros de los nativos americanos se aislaron de otros euroasiáticos también tiene una influencia importante en estas inferencias, ya que limita la ubicación de la división NNA/SNA hace aproximadamente 15.700 años (Moreno-Mayar, et al. 2018a; Potter et al. 2018). La evidencia genómica muestra que los nativos americanos se originaron a partir de un evento de mestizaje entre grupos relacionados con Asia Oriental y el antiguo norte de Eurasia hace aproximadamente 25.000 años (Moreno-Mayar, et al. 2018a, Sikora et al. 2019, Raghavan et al. 2014). El mestizaje entre ambos grupos probablemente ocurrió en Siberia y continuó después del Último Máximo Glacial (Sikora et al. 2019, Zeng et al. 2025, Yu et al. 2020, Wang et al. 2023, Kilinç et al. 2021). Sin embargo, todos los individuos antiguos y actuales conocidos del norte de Asia Oriental (Mao et al. 2021, Yang et al. 2020), el sur y el norte de Siberia (Zeng et al. 2025, Raghavan et al. 2014, Yu et al. 2020, Kilinç et al. 2021, Wang et al. 2023) e incluso el oeste de Beringia (Sikora et al. 2019), tienen principalmente ascendencia del este de Asia o del norte de Eurasia antigua, o una mezcla de ambas (paleosiberianos antiguos), pero en proporciones significativamente diferentes a las de los nativos americanos. Hasta la fecha, no hemos encontrado evidencia de ancestros nativos americanos en esas regiones.

La evidencia genética directa también muestra una presencia humana pre-Clovis al sur de los casquetes polares continentales. Existe evidencia de ADN mitocondrial antiguo de linajes nativos americanos en coprolitos humanos de las cuevas de Paisley (Oregón) (Shillito et al. 2020), datados en aproximadamente 14.600 años (Gilbert et al. 2008, Jenkins et al. 2012). Además, los perros precolombinos, que presumiblemente no habrían llegado a América sin la presencia humana, descienden de un linaje que se separó de todos los demás perros y se expandió hace aproximadamente 14.600 años (intervalo de credibilidad del 95%: 13.740 – 17.650 años) (Leathlobhair et al. 2018, Perri et al. 2021).

Todos los linajes descendientes de nativos americanos se encuentran exclusivamente en América o entre poblaciones con ascendencia nativa americana. Este patrón es difícil de conciliar con escenarios en los que la expansión ocurrió fuera de América. Además, las estimaciones basadas en el ADN mitocondrial de un aumento de aproximadamente 60 veces en el tamaño efectivo de la población entre 16.000 y 13.000 años atrás (Llamas et al. 2016), son una fuerte evidencia de la expansión demográfica a gran escala que se esperaba tras la entrada en un continente previamente desocupado, y varios relojes moleculares independientes indican que dicha expansión tuvo lugar en la época pre-Clovis.

Surovell et al. afirman que la aceptación de una edad pre-Clovis para Monte Verde llevó a algunos a rechazar el corredor interior libre de hielo como una posible ruta de entrada inicial a América al sur de los mantos de hielo Cordillerano y Laurentino, ya que estos no se habrían retirado lo suficiente hacia el 14.500 BP como para permitir el viaje hacia el sur desde Beringia. En ese momento, solo la costa del Pacífico se habría desglaciado lo suficiente como para que la gente se desplazara hacia el sur, a latitudes medias de Norteamérica.

A su vez, sostienen que si Monte Verde no tiene más de 8.200 años de antigüedad, entonces su edad revisada respalda "una migración inicial hacia el interior de Norteamérica continental". Es difícil imaginar por qué sería así. Incluso si Monte Verde no estuvo habitado hasta el Holoceno Medio, eso no puede tener ninguna relación con la desglaciación que tuvo lugar 10.000 km al norte y que comenzó hasta 10.000 años antes. Sin embargo, la evidencia geológica y genética directa de la región del corredor sí puede tenerla.

Según las edades de exposición al isótopo cosmogénico 10Be, los mantos de hielo Laurentino y Cordillerano comenzaron a separarse tanto en su extremo norte (Yukón/Territorios del Noroeste), como en su extremo sur (Alberta), de forma similar a un abrigo de invierno que se abre por arriba y por abajo. La separación inicial comenzó hace aproximadamente 17.500 años, y la separación se completó hace unos 14.000 años (Clark et al. 2022; Dalton et al. 2023; Hickin et al. 2015). Sin embargo, el corredor recientemente desglaciado tardó en convertirse en un paso ecológicamente viable con los recursos necesarios para sustentar a los cazadores-recolectores que realizaban la migración de aproximadamente 1.500 km a través del corredor.

La evidencia sobre cuándo el corredor se volvió viable proviene de evidencia de ADN independiente. Durante el Último Máximo Glacial, los bisontes de los mantos de hielo del norte y del sur desarrollaron linajes de ADN mitocondrial distintos que permanecieron separados hasta hace aproximadamente 13.000 años (Heintzman et al. 2016). De manera similar, el ADN ambiental de los núcleos de sedimentos lacustres en el centro de la «cremallera», última sección en quedar libre de hielo, muestra la llegada de animales (incluidos bisontes, mamuts y alces) solo en sedimentos de menos de ~12.600 años (Pedersen et al. 2016).

En efecto, una ruta interior no habría estado disponible a principios de la cultura Clovis. Esto ayuda a explicar la relativa escasez de material de puntas acanaladas Clovis en la región del corredor, y por qué las formas que aparecen parecen ser vestigios de grupos descendientes de poblaciones que llegaron al sur de los casquetes polares continentales en la época pre-Clovis y se desplazaban hacia el norte a través del corredor recién abierto (Smith y Goebel 2018).

Las conclusiones de Surovell et al. (2026) no solo ignoran la evidencia de Monte Verde, sino también décadas de investigación en diversas disciplinas. Su falta de consideración de la totalidad de los datos del sitio, el uso selectivo de la bibliografía más amplia y las conclusiones exageradas no contribuyen al avance del debate científico ni al campo de los estudios sobre los primeros pobladores de América.

Referencias

Bonatto S, Salzano F (1997) Diversity and age of the four major mtDNA haplogroups, and their implications for the peopling of the New World. *The American Journal of Human Genetics* **61**:1413-1423

Clark, J., A. E. Carlson, A. V. Reyes, E. C. B. Carlson, L. Guillaume, G. A. Milne, L. Tarasov, M. Caffee, K. Wilcken, D. H. Rood, *et al.* (2022). The age of the opening of the ice-free corridor and implications for the peopling of the Americas. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **119**, e2118558119.

Dalton, A. S., H. E. Dulfer, M. Margold, J. Heyman, J. J. Clague, D. G. Froese, M. S. Gauthier, A. L. Hughes, C. E. Jenings, S. L. Norris, & B. J. Stoker (2023). Deglaciation of the North American ice sheet complex in calendar years based on a comprehensive database of chronological data: NADI-1. *Quat. Sci. Rev.* **321**, 108345.

Dillehay, T. D. (1989). *Monte Verde: A late Pleistocene settlement in Chile. Vol. 1, Paleoenvironment and site context.* Smithsonian Institution Press, Washington, DC.

Dillehay, T. D. (1997). *Monte Verde: A late Pleistocene settlement in Chile. Vol. 2, The archaeological context and interpretation.* Smithsonian Institution Press, Washington, DC.

Forster, P., R. Harding, A. Torroni, & H. Bandelt (1996). Origin and evolution of Native American mtDNA variation: A reappraisal. *Am. J. Hum. Genet.* **59**, 935–945.

Gilbert, T., D. Jenkins, A. Götherstrom, *et al.* (2008). DNA from pre-Clovis human coprolites in Oregon, North America. *Science* **320**, 786–789.

Heintzman, P. D., D. Froese, J. W. Ives, A. E. R. Soares, G. D. Zazula, B. Letts, T. D. Andrews, J. C. Driver, E. Hall, P. G. Hare, *et al.* (2016). Bison phylogeography constrains dispersal and viability of the ice-free corridor in western Canada. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **113**, 8057–8063.

Hickin, A. S., O. B. Lian, V. M. Levson, & Y. Cui (2015). Pattern and chronology of glacial Lake Peace shorelines and implications for isostacy and ice-sheet configuration in northeastern British Columbia, Canada. *Boreas* **44**, 288–304.

Jenkins, D. L., L. Davis, T. W. Stafford, *et al.* (2012). Clovis age Western Stemmed projectile points and human coprolites at the Paisley Caves. *Science* **337**, 223–228.

Kilinç, G. M., *et al.* (2021). Human population dynamics and *Yersinia pestis* in ancient northeast Asia. *Sci. Adv.* **7**, eabc4587.

Leathlobhair, M., A. Perri, E. Irving-Pease, *et al.* (2018). The evolutionary history of dogs in the Americas. *Science* **361**, 81–85.

Llamas, B., L. Fehrens-Schmitz, G. Valverde, *et al.* (2016). Ancient mitochondrial DNA provides high-resolution timescale of the peopling of the Americas. *Sci. Adv.* **2**, e1501385.

Mao, X., *et al.* (2021). The deep population history of northern East Asia from the Late Pleistocene to the Holocene. *Cell* **184**, 3256–3266.e13.

Merriwether, D. A., F. Rothhammer, & R. Ferrell (1995). Distribution of the four founding lineage haplotypes in Native Americans suggests a single wave of migration to the New World. *Am. J. Phys. Anthropol.* **98**, 411–430.

Moreno-Mayar, J. V., B. A. Potter, L. Vinner, *et al.* (2018a). Terminal Pleistocene Alaskan genome reveals first founding population of Native Americans. *Nature* **553**, 203–207.

Moreno-Mayar, J. V., L. Vinner, P. de Barros Damgaard, *et al.* (2018b). Early human dispersals within the Americas. *Science* **362**, eaav2621.

Pedersen, M. W., A. Ruter, C. Schweger, H. Friebe, R. A. Staff, K. K. Kjeldsen, M. L. Z. Mendoza, A. B. Beaudoin, C. Zutter, N. K. Larsen, *et al.* (2016). Postglacial viability and colonization in North America's ice-free corridor. *Nature* **537**, 45–49.

Perri, A. R., T. R. Feuerborn, L. Frantz, G. Larson, R. S. Malhi, D. J. Meltzer, & K. E. Witt (2021). Dog domestication and the dual dispersal of people and dogs into the Americas. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **118**, e2010083118.

Pino, M. (1989) Regional and site geology. In *Monte Verde: A late Pleistocene settlement in Chile. Vol. 1, Paleoenvironment and site context,* by T. Dillehay, pp. 89-181. Smithsonian Institution Press, Washington, DC.

Pino, M. and T.D. Dillehay (2023) Monte Verde II: an assessment of new radiocarbon dates and their sedimentological context. *Antiquity* Vol. 97:524–540.

Pinotti, T., A. Bergstrom, M. Geppert, *et al.* (2019). Y chromosome sequences reveal a short Beringian standstill, rapid expansion, and early population structure of Native American founders. *Curr. Biol.* **29**, 149–157.

Posth, C., N. Nakasuta, I. Lazaridis, *et al.* (2018). Reconstructing the deep population history of Central and South America. *Cell* **175**, 1185–1197.

Potter, B. A., J. F. Baichtal, A. B. Beaudoin, L. Fehren-Schmitz, C. V. Haynes, V. T. Holliday, C. E. Holmes, J. W. Ives, R. L. Kelly, B. Llamas, R. S. Malhi, D. S. Miller, D. Reich, J. Reuther, T. Schiffels, and T. A. Surovell (2018). Current evidence allows multiple models for the peopling of the Americas. Sci. Adv. 4, eaat5473.

Raghavan, M., M. Steinrücken, K. Harris, *et al.* (2015). Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans. *Science* **349**, aab3884.

Raghavan, M., P. Skoglund, K. Graf, *et al.* (2014). Upper Paleolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. *Nature* **505**, 87–91.

Rasmussen, M., S. Anzick, M. Waters, *et al.* (2014). The genome of a Late Pleistocene human from a Clovis burial site in western Montana. *Nature* **506**, 225–229.

Shillito, L. M., H. L. Whelton, J. C. Blong, D. L. Jenkins, T. J. Connolly, and I. D. Bull. (2020). Pre-Clovis occupation of the Americas identified by human fecal biomarkers in coprolites from Paisley Caves, Oregon. Sci. Adv. 6, eaba6404.

Sikora, M., V. V. Pitulko, V. C. Sousa, *et al.* (2019). Ancient genomics reveals three prehistoric migrations into northeastern Siberia and the genetic origins of Native Americans. *Nature* **570**, 182–188.

Smith, H. L., & T. Goebel (2018). Origins and spread of fluted-point technology in the Canadian ice-free corridor and eastern Beringia. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **112**, 4116–4121.

Surovell, T.A, C. Méndez, J-L. García, C. Lüthgens, J.M. Thompson, C. Latorre. (2026) A mid-Holocene age for Monte Verde challenges the timeline of human colonization of South America. *Science* **391**:1283-1288.

Wade, L. (2026) Debate explodes over key early American site. *Science* 391.

Wang K, Yu H, Radzevičiūtė R et al. (2013) Middle Holocene Siberian genomes reveal highly connected gene pools throughout North Asia. *Current Biology* **33**:423-433

Yang, M. A., *et al.* (2020). Ancient DNA indicates human population shifts and admixture in northern and southern China. *Science*, doi:10.1126/science.aba0909.

Yu, H., *et al.* (2020). Paleolithic to Bronze Age Siberians reveal connections with first Americans and across Eurasia. *Cell* **181**, 1232–1245.e20.

Zeng, T. C., *et al.* (2025). Ancient DNA reveals the prehistory of the Uralic and Yeniseian peoples. *Nature*, doi:10.1038/s41586-025-09189-3